

09864291.052501

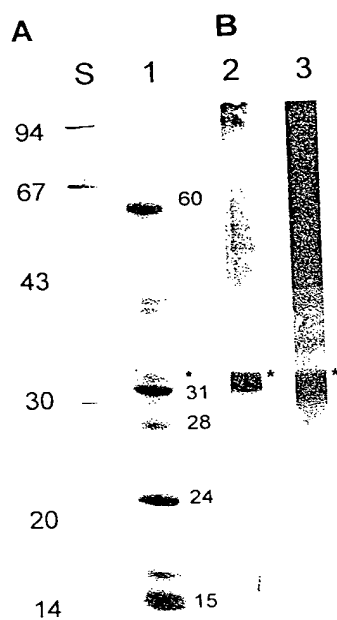


Fig. 1A & 1B

(SEQID NO: 5)

(SEQID NO: 4)

1 CGGCACGAGG33GGCAGGAGGGGGCCTG¹GGCAGG

36 ATG GCA GTG AAC CAG AGC CAC ACC GAG AGC CGT CGT GGG 3CC CTC ATC CCC TCT GGC GAA
1 M A V N Q S H T E S R R G A L I P S G E
96 AGT GTC TTG AAG CAG TGT GAG GAT GTG GAC CTC TGC TTC STA CAG AAA CCA GTG GAA TCC
21 S V L K Q C E D V D L C F L Q K P V E S
156 TAT CTC TTT AAT GGC ACA AAG AAA GGA ACG TTG TTT CTC ACT TCA TAC CGG GTG GTC TTC
41 Y L F N G T K K G T L F L **OT** S Y R V V F
216 GTG ACT TCA CAC TTA GTC AAT GAC CCC ATG CTT TCT TTT ATG ATG CCG TTT GGC CTG ATG
61 V T S H L V N D P M L S F M M P F G L M
276 AGT GAC TGC ACC ATT GAA CAA CCA ATT TTT GCC CCC AAC TAC ATT AAA GGA ACC ATT CAG
81 S D C T I E Q P I F A P N Y I K G T I Q
336 GCA GCT CCA GGT GGT GGC TGG GAA GGA CAA GCT GTT TTT AAG TTA TCC TTC AGG AAA GGA
101 A A P G G G W E G Q A V F K L S F R K G
396 GGT GCC ATC GAA TTT GCC CAA CTG ATG GTA AAA GCT GCC TCT GCT GCT GCC AGA GGA ATT
121 G A I E F A Q L M V K A A S A A A R G I
456 CCA CTT GGA AGT GTA AAT TAC TGG TTC GAC ACT TCA GGA CTG TAC ATA ATT ACT GTC CCA
141 P L G S V N Y W F D T S G L Y I I T V P
516 GGG GCT GCA GTG TGC TCC TCA CAG ACA CCT TGT CCA GCA TAT CCA ATT GTG ATC TAT GGA
161 G A A V C S S Q T P C P A Y P I V I (Y G
576 CCC CCA CCA CCA GGA TAT ACA GTC CAA CCA GGG GAA TAT GGA ACT CCA CCA GAA GGA TAT
181 P P P P G Y) T V Q P G E (Y G T P P E G) (Y
636 GGA GCC CAA CCA GGG GGA TAT GGA GCC CCA CCT ATG GGA TAT GGA GCC CCG CCT GTG GGA
201 G A Q P G G) (Y G A P P M G) (Y G A P P V G)
696 TAT GGA GTC CCA CCT GGG GGA TAT GGA GTC CCA CCT GGG GGA TAT GGA GTC CCA CCT GGG
221 (Y G V P P G G) (Y G V P P G G) (Y G V P P G
756 GGA TAT GGA GCC CCA CCT GGG GGA TAT GGA GTC CCA CCT GGG GGA TAT GGT GCC CCA CCT
241 G) (Y G A P P G G) (Y G V P P G G) (Y G A P P
816 GGG GGA TAT GGA GCC CCA CCT GCA GGA TAT GGA GCC CCA CCA GCT GGA AAT GAA GCC CTA
261 G G) (Y G A P P A G) (Y G A P P A G) **ON E A L**
876 CCC CCT GCA TAT GAA GCT CCA TCT GCT GGA AAT ACA GCT GCC TCT CAC AGA TCT ATG ACA
281 P P A Y E A P S A G N T A A S H R S M T
936 GCT CAG CAG GAG ACT TCT CTT CCC ACT ACC TCA TCT TCT TAG
301 A Q Q E T S L P T T S S S **⊗**
GTCCATTACCACTTCTCAGAGT¹²TAAACCTTGAAGACTCACCAAGCAAAGGGCACCCCTAAAACCTGAAGTCACAGTAAGAAGG
AAGACCCAGGTGCCAGTGGTAAGAGGTGTTGGTGTGCACGCAGTGGTCTGATCTCTCCACACACCTGTGAGGTCTGTGCC
TCAAAACAGATGAGGTGAGAAACGAGACTCTTCTCAAGGAAGGAAGATGCTTGAAAACAGACTGCAAGCCAACTAGAGAG
AGAGAGATGTGAAGTGGCACATAAAACAGCTTGGGGATGGAGACTGACTCTCTTTAGAAAACAGGCCTTCTCCCTGCCTCTGA
CCTGAGCAGAAAAGAGAAATCGCTGGAACCAAGAGCTAGGGTCACCCCTGCTTAGACGCCCTCGATTAAAGCCTGCTTGCTGT
TGCATAAAAAAAAAAAAAAAAA (1413) 0000000

09864291.05501

Fig 2.

A.

```

      10      20      30      40      50      60
PT32 MAVNQSHTESRRGALIPSGESVLKQCEDVDLCFLQKPVESYLFNGTKKGTFLFTSYRVVF
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
WBPM MALNKNHSEGG-GVIVNNTESILMSYDHVELTFNDMKNVPEAFKGTGKGTVYLTPLYRVIF
      10      20      30      40      50

      70      80      90      100     110     120
PT32 VTSHLVNDPMLSFMMPFGLMSDCTIEQPIFAPNYIKGTIQAAPGGGWEGQAVFKLSFRKG
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
WBPM LSKG--KDAQSFMMPFYLMKDCEIKQPVFGANFIKIVKAEAGGGWEGSASYKLTFTAG
      60      70      80      90      100     110

      130     140     150     160     170
PT32 GAIEFAQLMVKAASAAARG-IPLGSVNYWFDTSGLYIITVPGAAVCSSQTPC ----313
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
WBPM GAIEFGQRLQVASQASRGEVPGAYGYPMPSGAYVFPPP---VANGMYPC ----261
      120     130     140     150     160

```

(SEQ ID NO: 19)
(SEQ ID NO: 17)

B.

```

      10      20      30      40      50      60
PT32 MAVNQSHTESRRGALIPSGESVLKQCEDVDLCFLQKPVESYLFNGTKKGTFLFTSYRVVF
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
WBPM MAVNQNHVDRRWAAIPHGESLLKKCSEVDLSFPQSPPGSNLFSGTRGALFTSYRVIF
      10      20      30      40      50      60

      70      80      90      100     110     120
PT32 VTSHLVNDPMLSFMMPFGLMSDCTIEQPIFAPNYIKGTIQAAPGGGWEGQAVFKLSFRKG
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
WBPM VTSRADNDPMFSFTMPFHLMNNTVEQPIFGANYIKGTIQAAPDGGWEGSATFKIVFRKG
      70      80      90      100     110     120

      130     140     150     160     170     180
PT32 GAIEFAQLMVKAASAAARGIPLGSVNYWFDTSGLYIITVPGAAVCSSQTPCPAYPIVIYG
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
WBPM GAIDFAQLMAKAASAAQGVPLRVASFWMGPLGIYVIT--GDR--NMYAP-QAYQVA-YG
      130     140     150     160     170

      190     200     210     220
PT32 PPPPGYTVQPGYEYGTTPPEGYGAPPGGYGAPPMGYGAPPVGYGV-PPG-----
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
WBPM APPAGYGASPVGYGVPSAGYGAPPAGYGAPPVGYVAPSPGYDVLPPGYGAVRYGSPPLY
      180     190     200     210     220     230

      230     240     250     260
PT32 ----GYGVPPGGYGVPVPPGGYGAPPVGGYGVP-----PGGYGAPPGGYGAPP
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
WBPM VATPMGYGVPPPGYGPPVRYGSPPPGYEAPTMEYGAQPPRYGTTMGSGSPPPRYEAPP
      240     250     260     270     280     290

      270     280     290     300     310
PT32 AGYGAPPAGNEALPP-----AYEAPSAGNTAASHRSMTAQ--ETSLPTTSSS----
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
WBPM MGYGTTPPSGRESIPPGSRATSVAQEAPPAGSEAGHPMSVAVQNPEFQASFPSTSSSQVHS
      300     310     320     330     340     350

```

PT32 ---- (SEQ ID NO: 5)
WBPM PRSKM (SEQ ID NO: 18)

Fig 3A & 3B

	80	90	100	110	120	130
PT32	MPFGLMSDCTIEQPIFAPNYIKGTIQAAPGGGWEGQAVFKLSFRKGGGAIEFAQLMVKAAS					
WBPH	MPFDLMTNLTVEQPVFAANFIKGTIQAAPYGGWEGQATFKLVFRNGDAIEFAQLMVKAAS					
	10	20	30	40	50	60
PT32	140	150	160	170	180	190
PT32	AAARGIPLGSVNYWFDTSGLYIITVPGAAVCSSQTPCPAYPIVIY	GPPPPGY	TVQ	PGEYG		
WBPH	A-----				VIVYGAPPAGYGAPP	PPGYG
					70	80
PT32	200	210	220	230	240	250
PT32	TPPEGYGAQPGGYGAPPMGYGAPPVVGYGVP	PPGGYG	VPPGGYG	VPPGGYG	GAPPPGGYG	PPPG
WBPH	APPAGYG	QAPVGN	EGPPVGYRASPVRYGAPPLGYG	GAPPAGYG	GAPPLGYG	GAPPLGYGTPEL
	90	100	110	120	130	140
PT32	260	270	280	290	300	310
PT32	GYGAPPPGGYGAPPAGYGAPPAGNEALPPAYEAPSAGNTAASHRSM	TAAQ	QETS	LSPT	TSSS	
WBPH	GYGAPPLGYGAPPAGNEGP	PAGYRAS	PAGSGAR	QESTAA----	QAPENEAS	LPSSASS
	150	160	170	180	190	
PT32	----- (SEQ ID NO: 9)					
WBPH	QDKEDDSGQPF	LRKSAFQ	CLLECDDYLIVR	(SEQ ID NO: 10)		
	200	210	220			

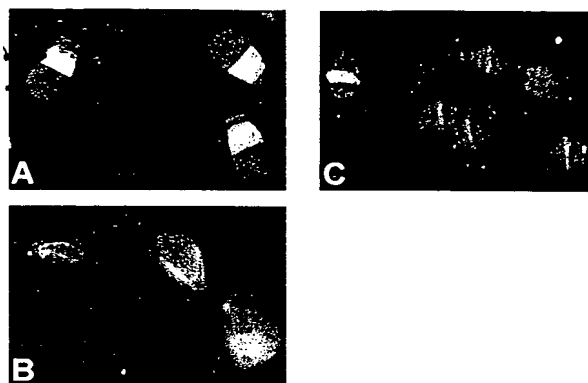
Figs. 4A, 4B

09864291.052501



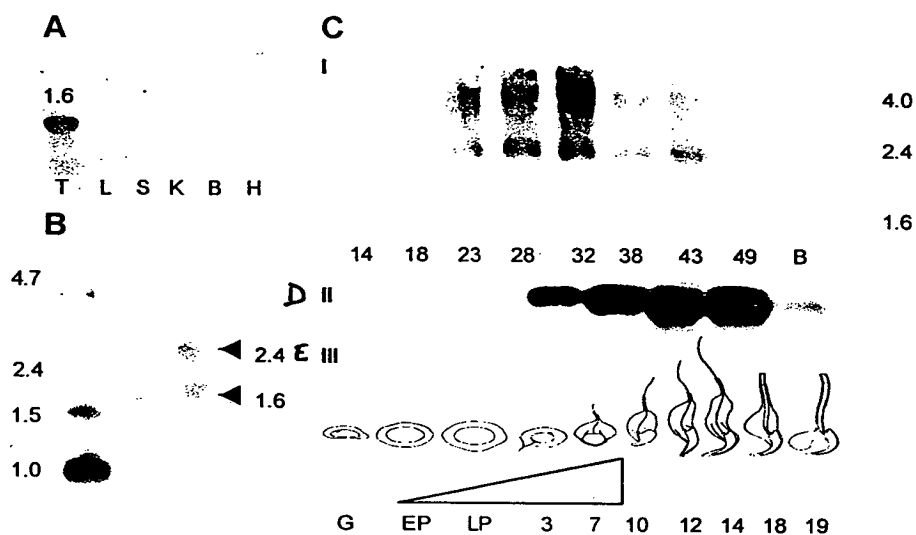
FIGS 5A-5D

09364291.052501
T05250" T6249860



Figs 6A-6C

09864291.052501



FIGS 7A-7E

c-Yes
DNA
MT

A

B

c-Yes
DNA

C

D

E

c-Yes
DNA
ER

F

G

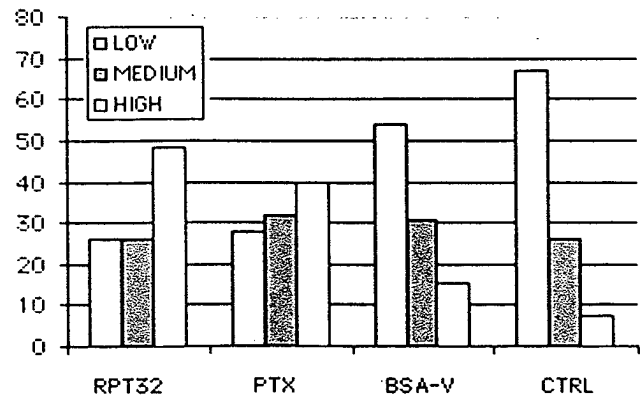
sperm mito
c-Yes
DNA

H

NPC
DNA

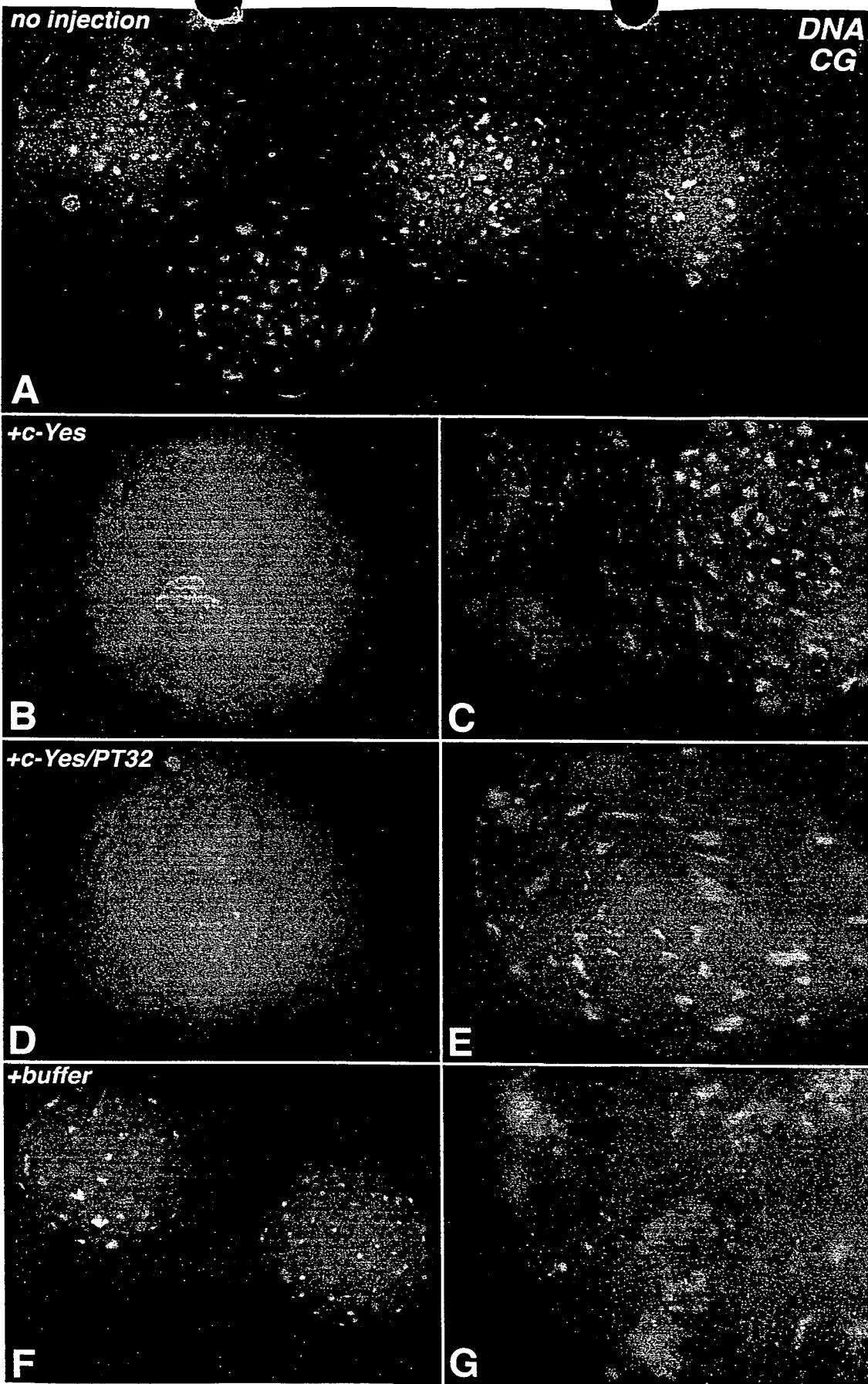
I

J



FIGS 8A-8J

09864291-052501
T05250-16249860



Figs 9A-9G

09064291.052501

1 mgeikskedk gpamkyrtnd tpepissshvs hygsdssqat qspaikgsav nfnshsmtpf
61 ggpsgmtpf gasssfsav spypstltgg vtvfvalydy eartddlsf kkgerfqiin
121 ntegdwwear siatgktgyi psnyvapads iqaeewyfgk mgrkdaerll lnpgnqrgif
181 lvresettkg ayslsirdwd evrgdnvkhy kirkldnggy yittraqfes lqklvkhyre
241 hadglchklt tvcptvkpqt qglakdawei preslrlevk lgqgcfcgevw mgtwnqgttkv
301 aiktlkpgtm mpeaflgeaq imkklrhdkl vplyavvsee piyivtefmt kgsllldflke
361 gegkflklpq lvdmaaquad gmayiermny ihrdlraani lvgdnlvcki adfglarlie
421 dneytarqga kfpikwtape aalygrftik sdvwsfgill telvtkgrvp ypgmvnrevl
481 eqvergyrmp cpqgcpslh elmklcwkkd pderptfeyi qsfledyfta tepqyqpgdn
541 1

(SEQ ID NO:20)

FIG 1D